

## **A Kárpát-medencéből származó 8-10. századi archaikus mitokondriális adatbázisok**

Csósz Aranka

MTA BTK Régészeti Intézet, Archeogenetikai Laboratórium

Kutatásunk célja a honfoglaló népesség anyai ági genetikai hátterének feltérképezése. Az előadás ezen munka eredményeit foglalja össze, valamint rövid tájékoztatást ad a 10. századot megelőző korszakból származó mintáink eddigi eredményeiről.

## **A mai magyar népesség mitokondriális DNS kompozíciója: recens és ősi jelek**

Egyed Balázs

ELTE TTK Genetikai Tanszék

## **Honfoglalás kori, valamint magyar és székely populációk apai ági genetikai kapcsolatrendszerének vizsgálata**

Csányi Bernadett

SZTE ÁOK Igazságügyi Orvostani Intézet

Populációk eredetének tanulmányozásához olyan markereket célszerű vizsgálni, melyeknél nem keveredik az anyai és az apai információ az egymást követő nemzedékekben. Az apáról fiúra öröklődő Y kromoszóma jelentős részén nem történik rekombináció a meiózis során, analízisével populációk apai ági leszármazási vonalait követhetjük nyomon. Az Y kromoszómán található nagyszámú polimorfizmus közül a biallélikus markerek közé tartozó pontmutációk, illetve inszerciók és delécións polimorfizmusok határozzák meg az Y-kromoszómális haplocsoportokat, melyek jellegzetes földrajzi eloszlást mutatnak.

A Tat polimorfizmus (T>C pontmutáció) C alléja az N3 haplocsoportot határozza meg, mely a szakirodalom alapján széles körben elterjedt az uráli nyelvű populációkban, ugyanakkor gyakorlatilag hiányzik a ma élő magyarul beszélő populációk génkészletéből.

Az általunk vizsgált ma élő magyar (100 fő) és székely férfiak (97 fő) közül egyetlen székely férfi Y kromoszómáján detektáltuk a C allél jelenlétét. Ezzel szemben 7 sikeresen tipizált (9-

10. századi) csontminta közül 2 esetben is igazoltuk a C allél meglétét, 5 leletnél pedig a T allél előfordulását. A Tat mutációt hordozó két 10. századi minta egy régióból, Békés megyéből származik. Eredményeink szerint a Tat C allél jelen volt a honfoglalás kori populáció génkészletében a Kárpát-medence területén történő letelepedéskor, illetve a Tat polimorfizmus egy megfelelő marker az ősi magyar populáció Y-kromoszómális genetikai összetételének analíziséhez.

A ma élő magyar és székely populációban 22 Y-kromoszómális biallélikus markert vizsgáltunk meg. A megfigyelt haplocsoportok általánosan jellemzik a különböző európai populációkat, egyetlen kivételt képez ez alól a székely populációban felbukkanó (3,1%) P-M45\*(xM173) klaszter. A közép-ázsiai P-M45\*(xM173) haplocsoport jelenléte a székely mintában szokatlan, mivel ez a klaszter szinte egyáltalán nem fordul elő Európában. A haplocsoport előfordulása valószínűleg némi ázsiai genetikai hatást tükröz.

A statisztikai vizsgálat szerint az általunk vizsgált magyar és székely populáció genetikailag heterogén összetételű, közeli rokonságban áll egymással, illetve más közép-európai és balkáni populációkkal.

## **A férfi genetikai útja**

Pamzsav Horolma

Budapesti Orvosszakértői Intézet, DNS labor

Az emberiség történelme populációk vándorlásának történelme. Mindegyik fontosabb demográfiai esemény hagyott hátra nyomot a populációk genetikai diverzitásában. Ha egy populáció mérete csökken, genetikai diverzitása is csökken, ha a populáció mérete nő, genetikai diverzitása is nő. Ha a vándorló népek egymással keverednek, az a népek között nagyfokú hasonlóságot, míg az izoláció genetikai egyediséget eredményez. Ezek a demográfiai bélyegek generációról generációra adódnak át, ily módon a ma élő emberek genetikai állománya visszatükrözi demográfiai múltjukat. Tehát történelmünk meg van írva DNS-ünkben.

Az előadás célja, hogy a ma élő finnugor populáció (magyar, székely, csángó és Manysi) férfi tagjainak Y kromoszóma haplotípus és haplocsoport vizsgálatain keresztül visszatekintést adjon múlttól, azaz a 60 ezer éve Afrikából indult férfi genetikai útvjáról és a világhódításáról.